

Avis de Soutenance

Monsieur William VILAS BOAS NUNES

Physiologie et Biologie des organismes - populations - interaction

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés
Bases génomiques de la spéciation incipiente dans le complexe Drosophila mojavensis

Travaux dirigés par Madame Cristina VIEIRA et Madame Claudia CARARETO

Soutenance prévue le **mardi 30 juin 2026** à 14h00

Lieu : Lyon 1 Université Bibliothèque Universitaire (salle de conférence) 20 avenue Gaston Berger
69100 VILLEURBANNE

Composition du jury proposé

Mme Cristina VIEIRA	Professeure des universités	Lyon 1 Université	Directrice de thèse
M. Elgion DA SILVA LORETO	Professeur titulaire	Université Fédérale de Santa Maria Brésil	Rapporteur
Mme María del Pilar GARCÍA GUERREIRO	Professeure associée	Université Autonome de Barcelone Espagne	Examinatrice
M. Christophe DOUADY	Professeur des universités	Lyon 1 Université	Examineur
Mme Laure TEYSSET	Professeure des universités	Sorbonne Université Paris	Rapporteure
Mme Claudia CARARETO	Professeure titulaire	Université de l'État de São Paulo Brésil	Co-directrice de thèse

Mots-clés : Isolement reproductif, Isolement postzygotique, Incompatibilité hybride, Divergence régulatrice, Éléments transposables, Génomique évolutive

Résumé :

La spéciation est le résultat de l'accumulation de différences génétiques qui aboutissent à l'isolement reproductif (IR) entre lignées divergentes. Par ailleurs, un nombre croissant d'études met en évidence la contribution des divergences de régulation à ce processus. Dans le domaine des recherches sur la spéciation, les espèces sœurs récemment divergentes *Drosophila arizonae* et *Drosophila mojavensis*, cette dernière regroupant quatre sous-espèces, constituent des modèles privilégiés. Bien que ce complexe soit un système classique pour l'étude de la spéciation, les mécanismes moléculaires sous-tendant leur divergence restent largement méconnus. Cette thèse a pour objectif de caractériser les aspects moléculaires de l'émergence de l'IR en utilisant *D. mojavensis* et *D. arizonae* comme modèles, en intégrant des approches de génomique évolutive et de transcriptomique. Notre étude a tout d'abord porté sur l'histoire évolutive du gène classique de spéciation *OdsH* analysé à partir d'hybrides de *D. mojavensis* et *D. arizonae*. Précédemment impliqué dans la stérilité hybride entre *Drosophila simulans* et *Drosophila mauritiana*, son origine avait été proposée comme résultant d'une duplication dans l'ancêtre de

Sophophora. À partir d'un échantillonnage génomique élargi, l'origine d'OdsH a été estimée comme plus ancienne que précédemment proposée, remontant à l'ancêtre des Drosophilinae. Les patrons d'évolution de la séquence et de l'expression suggèrent une néofonctionnalisation rapide, notamment dans les fonctions reproductrices mâles. Cependant, son analyse chez *D. arizonae* et *D. mojavensis* suggère qu'OdsH est peu susceptible de contribuer à la stérilité hybride entre ces espèces. En complément de l'analyse de ce gène candidat, l'impact de la divergence génétique et régulatrice a été étudié à travers les différents degrés d'IR dans le complexe d'espèces *D. mojavensis*. Les approches phylogénomiques ont révélé une discordance généralisée des arbres géniques, principalement attribuable au tri incomplet des lignées (ILS). Dans ce contexte, les gènes à évolution rapide présentent une corrélation plus forte avec les degrés d'IR, tandis que les loci affectés par l'ILS ne montrent aucune association avec les niveaux d'IR. Par ailleurs, des analyses de transcriptomes ont mis en évidence des liens entre la divergence de l'expression génique et les degrés d'isolement, soulignant le rôle de la divergence régulatrice dans les premières étapes de la spéciation. Étant donnée l'impact des éléments transposables (TE) sur la divergence régulatrice, leur contribution potentielle aux incompatibilités hybrides a été investiguée. Les gènes dérégulés chez les hybrides sont enrichis en insertions de TE, en particulier sur le chromosome X, qui présente une densité élevée de TE. De plus, des transcrits chimériques spécifiques aux hybrides, composés de séquences de TE et de gènes, ont été détectés, indiquant une implication des TE dans des perturbations régulatrices au-delà des seuls niveaux d'expression. Nos résultats mettent en évidence la complexité moléculaire sous-jacente à l'émergence de l'isolement reproductif. Alors que les relations phylogénétiques peuvent rester partiellement non résolues aux stades précoces de divergence, les gènes à évolution rapide, associés à la divergence régulatrice, peuvent contribuer à la formation de barrières reproductives.

Summary:

Speciation arises through the accumulation of genetic differences that ultimately lead to reproductive isolation (RI) between diverging lineages. Additionally, increasing evidence highlights the contribution of regulatory divergence to this process. In speciation research, the recently diverged sister species *Drosophila arizonae* and *Drosophila mojavensis*, the latter comprising four subspecies, are a suitable model system, as they exhibit variable degrees of genetic divergence and RI. Despite being a classic model for speciation studies, the molecular basis of their divergence remains largely unknown. Therefore, this thesis aimed to characterize molecular aspects of RI emergence using *D. mojavensis* and *D. arizonae* as models, by integrating evolutionary genomics and transcriptomics approaches. First, the evolutionary history of the classical speciation gene *Odysseus* (*OdsH*) was revisited using hybrids of *D. mojavensis* and *D. arizonae*. Previously implicated in hybrid sterility between *Drosophila simulans* and *Drosophila mauritiana* its origin was proposed to have occurred through duplication in the *Sophophora* ancestor. Using an expanded genomic, *OdsH* origin was estimated to occur earlier than previously proposed, in the *Drosophilinae* ancestor. Patterns of sequence and expression evolution indicate rapid neofunctionalization, particularly in male reproductive functions. Moreover, the evaluation of these aspects in *D. arizonae* and *D. mojavensis* suggests that *OdsH* is unlikely to be involved in hybrid sterility between these species. In addition to analysing this candidate gene, the impact of genetic and regulatory divergence was investigated across the variable degrees of RI in the *D. mojavensis* species complex. For this, phylogenomic approaches were applied and revealed widespread gene tree discordance largely explained by incomplete lineage sorting (ILS). In this scenario, faster-evolving genes showed greater explanatory power for the degrees of RI, whereas ILS-affected loci showed no association with levels of RI. Furthermore, comprehensive transcriptomic analyses uncovered correlations between gene expression divergence and the degrees of isolation, highlighting the role of regulatory divergence in early speciation. Finally, given the impact of transposable elements (TE) to regulatory divergence, its potential contribution was investigated in hybrid incompatibilities. Misexpressed

genes in hybrids are enriched for TE insertions, particularly on the X chromosome, which exhibits elevated TE content. Additionally, hybrid-specific chimeric transcripts composed of TE and gene sequences were detected, indicating TE implication in regulatory disruptions beyond the levels of expression. Overall, these results highlight the molecular complexity underlying the emergence of reproductive isolation. While phylogenetic relationships may remain partially unresolved at early divergence stages, fast-evolving genes together with regulatory divergence may contribute to reproductive barriers.